

[illegible]

MRATSLIAAA LAVAGDALAG KIKYLGAIP GIDFGCDIDG SCPTDTSSVP LLSYKGGDGA GQMKHFAEDD
10 20 30 40 50 60 70

GLNVFRISAT WQFVLNNTVD GKLDLNLWGS YNKVVNACLE TGAYCMIDMH NFARYNGGII GQGVSDDDIF
80 90 100 110 120 130 140

VDLWVQIAKY YEDNDKIIIFG LMNEPHDLDI EIWAQTCQKV VTAIRKAGAT SQMILLPGTN FASVETYVST
150 160 170 180 190 200 210

GSAEALGKIT NPDGSTDLLY FDVHKYLDIN NSGSHAECTT DNVDADFNDFA DWLRQNKRQA IISSETGASME
220 230 240 250 260 270 280

PSCMTAFCAQ NKAISENSDV YIGFVGWGAG SFDTSYILTL TPLGKPGNYT DNKLMNECIL DQFTLDEKYR
290 300 310 320 330 340 350

PTPTSISTAA EETATATATS DGDAPSTTKP IFREETASPT PNAVTKPSPD TSDSSDDDDKD SAASMSAQGL
360 370 380 390 400 410 420

TGTVLFTVAA LGYMLVAF
430 438

Figure 2

Predicted T. reesei EG VIII amino acid sequence